WELTORGANISATION FUR GEISTIGES EIGENTUM

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation $^{f 6}$:

C12Q 1/68

(11) Internationale Veröffentlichungsnummer:

WO 97/21832

A1

(43) Internationales Veröffentlichungsdatum:

19. Juni 1997 (19.06.97)

(21) Internationales Aktenzeichen:

PCT/EP96/05472

(22) Internationales Anmeldedatum: 6. December 1996 (06.12.96)

PT, SE).

(30) Prioritätsdaten:

195 45 965.2 196 34 226.0

DE 8. December 1995 (08.12.95) 24. August 1996 (24.08.96)

DE

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): EVOTEC BIOSYSTEMS GMBH [DE/DE]; Grandweg 64, D-22529 Hamburg (DE).

(72) Erfinder; und

- (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): EIGEN, Manfred [DE/DE]; Georg-Dehio-Weg 14, D-37075 Göttingen (DE). WALTER, Nils [DE/DE]; Max-Planck-Institut für Biophysikalische Chemie, Am Faßberg, D-37077 Göttingen (DE). SCHWILLE, Petra [DE/DE]; Angerstrasse 12, D-37073 Göttingen (DE). OEHLENSCHLÄGER, Frank [DE/DE]; Baumschulweg 5, D-37083 Göttingen (DE).
- (74) Anwälte: MEYERS, Hans-Wilhelm usw., Postfach 10 22 41, D-50462 Köln (DE).

Veröffentlicht

Mit internationalem Recherchenbericht.

Vor Ablauf der für Änderungen der Ansprüche zugelassenen Frist. Veröffentlichung wird wiederholt falls Anderungen eintreffen.

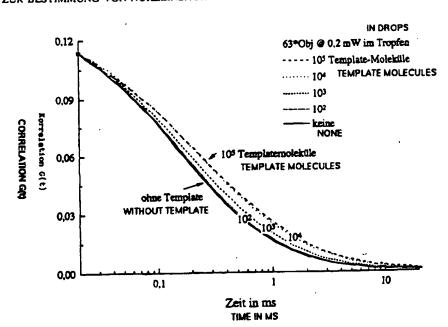
CH, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL,

(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE,

- (54) Title: PROCESS FOR DETERMINATION OF LOW CONCENTRATION OF NUCLEIC ACID MOLECULES
- (54) Bezeichnung: VERFAHREN ZUR BESTIMMUNG VON NUKLEINSÄUREMOLEKÜLEN IN NIEDRIGER KONZENTRATION

(57) Abstract

The invention relates to a process for determination of a low concentration of nucleic acid molecules in samples to be examined, by amplification unmarked reactions using primers as amplification primers and detectable, in particular marked primers, as detection primers and in particular using polymerases and/or ligases. The detectable primers hybridise to the amplification products. The drop in the concentration of detectable, in particular, marked primers, and/or the rise in the concentration of amplification products is measured and is used to measure the presence of the nucleic acid molecules to be determined.



(57) Zusammenfassung

Verfahren zur Bestimmung von Nukleinsäuremolekülen in niedriger Konzentration in zu untersuchenden Proben mittels Amplifikationsreaktionen unter Verwendung von unmarkierten Primern als Amplifikationsprimer und detektierbaren, insbesondere markierten Primern als Detektionsprimer sowie insbesondere von Polymerasen und/oder Ligasen, wobei die detektierbaren Primer an die Amplifikationsprodukte hybridisieren und die Abnahme der Konzentration der detektierbaren, insbesondere markierten Primer, und/oder die Zunahme der Konzentration der Amplifikationsprodukte gemessen wird und als Maß für das Vorhandensein der zu bestimmenden Nukleinsäuremoleküle herangezogen wird.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

		GB	Vereinigtes Königreich	MX	Mexiko
AM	Armenien Österreich	GE	Georgien	NE	Niger
AT	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	GN	Guinea	NL	Niederlande
AU	Australien	GR	Griechenland	NO	Norwegen
BB	Barbedos	HU	Ungarn	NZ	Neusceland
BE	Belgien	1E	Irland	PL	Polen
BF	Burkina Faso	IT	Italien	PT	Portugal Portugal
B G	Bulgarien			RO	Rumânien
BJ	Benin	JP	Japan	RU	Russische Föderation
BR	Brasilien	KE	Kenya	SD	Sudan
BY	Belans	KG	Kirgisistan	SE	Schweden
CA	Kanada	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	SG	Singapur
CF	Zentrale Afrikanische Republik	KR	Republik Korea	Si	Slowenien
CG	Kongo	KZ	Kasachstan	SK	Slowakei
CH	Schweiz	u	Liechtenstein		•
CI	Côte d'Ivoire	LK	Sri Lanka	SN	Senegal Sweetland
CM	Kamerun	LR	Liberia	SZ	- · · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
CN	China	LK	Litauen	TD	Tschad
CS	Tschechoslowakei	LU	Luxemburg	ΤG	Togo
CZ	Tschechische Republik	LV	Lenland	TJ	Tadschikistan
DE	Deutschland	MC	Monaco	TT	Trinidad und Tobago
DK	Danemark .	MD	Republik Moldau	UA	Ukraine
	Extland	MG	Madagaskar	UG	Uganda
EB		ML	Mali	US	Vereinigte Staaten von Amerika
ES	Spanien	MN	Mongolei	UZ	Usbekistan
FI	Finnland	MR	Mauretanien	VN	Vietnam
FR	Frankreich	MW	Malawi		
GA	Gabon	MY	(APRICA)		

WO 97/21832 PCT/EP96/05472

Verfahren zur Bestimmung von Nukleinsäuremolekülen in niedriger Konzentration

Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ein Verfahren zur Bestimmung von Nukleinsäuremolekülen in niedriger Konzentration in zu untersuchenden Proben mittels Amplifikationsreaktionen, insbesondere unter Verwendung von Polymerasen und/oder Ligasen, sowie unmarkierten und detektierbaren Primern.

Ein derartiges Amplifikationsverfahren ist für die molekulare Diagnostik, insbesondere für die Pathogendiagnostik, von großer Bedeutung. Eine Vielzahl von Techniken ist beschrieben worden, die geringe Mengen an spezifischer Nukleinsäure nachzuweisen vermögen. Dem erfindungsgemäßen Verfahren ähnlich ist der 5´-Nuklease-Assay (die sogenannte TaqMan-Polymerase-Chain-Reaction; Livak et al. in PCR Methods and Applications 4 (1995), 357 - 361). Die Basis dieser Methode ist ein am 5´-Ende mit einem Reportermolekül (Fluorescein) und am 3´-Ende mit einem Quenchermolekül (Rhodamin) markiertes Oligonukleotid, welches am 3´-Ende zudem über einen Phosphatrest gegen eine enzymatische Kettenverlängerung geschützt ist. Im Verlauf der PCR-Reaktion wird die Sonde

von der 5´-3´-Exonukleaseaktivität der verwendeten Taq-Polymerase erkannt, wenn sie downstream zu einer primergestarteten Polymerase-Reaktion an die zu amplifizierende Matrize hybridisiert hat. In der Folge sorgt die 5´-3´-Exonukleaseaktivität für die Hydrolyse des 5´-Endes der Sonde, wodurch die Fluoreszenz-Emission des Fluorescein-Reporters ansteigt, da sie nicht länger durch die Nachbarschaft des Rhodamins gelöscht wird. Gravierende Nachteile dieses Verfahrens sind die sehr aufwendige und kostenintensive Präparation der doppeltmarkierten und endgruppengeschützten Oligonukleotide, die Beteiligung der enzymatischen Hydrolyse und der Einfluß von Medieneffekten auf die Fluoreszenzausbeute, d.h. die Quantifizierbarkeit.

Das der Erfindung zugrundeliegende Problem besteht darin, ein universell einsetzbares, leicht handhabbares und preiswertes Verfahren zur qualitativen und quantitativen Detektion von kleinsten Mengen an Nukleinsäure bereitzustellen. Es ist hierbei insbesondere im Hinblick auf die Diagnostik infektiöser Pathogene wünschenswert, da β das gesamte Verfahren in Kompartimenten ablaufen kann, die nach der Zugabe der Probe verschlossen werden und im Laufe des Verfahrens nicht wieder geöffnet werden müssen.

Die der Erfindung zugrundeliegende Aufgabe wird gelöst durch ein Verfahren mit den Merkmalen des Patentanspruchs 1. Die Unteransprüche 2 bis 10 betreffen bevorzugte Ausführungsformen des erfindungsgemä β en Verfahrens.

Das erfindungsgemäße Verfahren dient zur Bestimmung von Nukleinsäuremolekülen in niedrigen Konzentrationen in zu untersuchenden Proben. Dabei werden Amplifikationsreaktionen eingesetzt. Diese verwenden insbesondere Polymerasen und/oder Ligasen. Es werden unmarkierte Amplifikationsprimer eingesetzt. Zudem werden detektierbare, insbesondere markierte Primer, sogenannte Detektionsprimer, verwendet. Die detektierbaren Primer hybridisieren an die Nukleinsäure

und/oder werden durch die Amplifikationsreaktion in die amplifizierte Nukleinsäure eingebaut, wobei die Konzentration der freien Detektionsprimer abnimmt. Die Abnahme dieser Konzentration und/oder die Zunahme der Konzentration der Amplifikationsprodukte wird gemessen und als Ma β für das Vorhandensein des zu bestimmenden Nukleinsäuremoleküls herangezogen.

Vorzugsweise sind die detektierbaren Primer mit fluoreszierenden Gruppen markiert. Als Amplifikationsreaktionen
kommen insbesondere Primer abhängige Reaktionen wie die
Polymerasekettenreaktion (PCR), Reverse Transkriptase PCR
(RT-PCR), isothermale 3SR (self-sustained sequence replication), Strand Displacement Amplification (SDA) und/oder
Nucleic Acid Sequence-based Amplification (NASBA) in Betracht. Desweiteren kann es bevorzugt sein, die Methode der
Ligase Chain Reaction (LCR) einzusetzen. Ebenso kann die
sogenannte gap-LCR (U. Landegren, Current Opinion in
Biotechnology 1996, 7: 95 - 97) Verwendung finden.

Wird die Abnahme der Konzentration der detektierbaren, insbesondere markierten Primer, und/oder die Zunahme der Konzentration der Amplifikationsprodukte, wie erfindungsgemä $oldsymbol{eta}$ bevorzugt wird, mittels fluoreszenzmarkierter Primer gemessen, ist die Fluoreszenzkorrelationsspektroskopie (FCS) einsetzbar, um ein Maeta für das Vorhandensein des zu bestimmenden Nukleinsäuremoleküls zu ermitteln. Bei dieser Ausführungsform des erfindungsgemäetaen Verfahrens werden Amplifikationstechniken mit der Detektionsmethode Fluoreszenzkorrelationsspektroskopie gekoppelt. Das erfindungsgemäetae Verfahren erlaubt somit die Realisierung einer Endpunkttitration, wobei die nachzuweisende Sequenz während der Reaktion stufenweise oder kontinuierlich amplifiziert wird. Der Endpunkt dieser als Endpunkttitration auffaetabaren Reaktion ist erreicht, wenn der erfindungsgemäeta zu verwendende Detektionsprimer durch Inkorporation in die neue synthetisierte Nukleinsäure verbraucht ist, bzw. eine weitere

- 4 -

Abnahme der Konzentration des Detektionsprimers nicht mehr feststellbar ist oder einen vorher festlegbaren, zweckmäßigen Wert erreicht hat.

In einer weiteren Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens können unterschiedlich markierte Detektionsprimer verwendet werden. Die Detektion und Auswertung kann vorzugsweise mittels der FCS in Form der in der WO 94/16313 offenbarten Kreuzkorrelation durchgeführt werden.

Bei der Verwendung fluoreszenzmarkierter Primer kann es in weiteren Ausführungsformen des erfindungsgemäßen Verfahrens bevorzugt sein, eine Variante der Fluoreszenzkorrelationsspektroskopie unter Ausnutzung von Prinzipien der Nahfeldmikroskopie (WO 96/13744) zu verwenden oder auf Analysemethoden gemäß der europäischen Patentanmeldung 96 116 373.0 zurückzugreifen. Die letztgenannte Anmeldung beschreibt eine Methode zur Analyse von Proben durch wiederholte Messung der Anzahl von Photonen pro definiertem Zeitintervall von Licht, welches von den Partikeln in der Probe emittiert, gestreut und/oder reflektiert wird, und Bestimmung der Verteilung der Anzahl von Photonen in den jeweiligen Zeitintervallen. Die Methode ist dadurch gekennzeichnet, daß die Verteilung der spezifischen Helligkeiten der Partikel aus der Verteilung der Anzahl von Photonen bestimmt wird.

Vorzugsweise wird erfindungsgemäß eine Polymerase ohne 5'-3'-Exonukleaseaktivität verwendet. Anderenfalls würde die Sonde wie im Ansatz gemäeta Livak et al. abgebaut. Die Polymerasen sind kommerziell erhältlich.

Erfindungsgemäeta ist es jedoch auch möglich, auf eine Extension des Detektionsprimers während des Verfahrens zu verzichten. Dies kann z.B. durch Verwendung eines Didesoxynukleotides am 3'-Ende des Detektionsprimers oder durch die Verwendung von markierten PNA als Detektionsprimern erfolgen. Erfindungsgemäeta ist auch der Anstieg der Diffusionszeiten des Detektionsprimers durch Hybridisierung an die amplifizierte Nukleinsäure ausreichend für eine reproduzierbare FCS-Detektion.

Die erfindungsgemäße Maetanahme, die Abnahme der Konzentration der detektierbaren, insbesondere markierten Primer, zu messen und als $exttt{Ma}eta$ für das Vorhandensein des zu bestimmenden Nukleinsäuremoleküls heranzuziehen, beruht auf der Tatsache, ${ t da}eta$ zu Beginn der Reaktion der Detektionsprimer sich in einem Zustand hoher Mobilität befindet, während er am Ende der Reaktion durch die Hybridisierung bzw. durch die Amplifikationsreaktion (Einbau in ein Amplifikationsprodukt) weitgehend bis vollständig in einen Zustand niedriger Mobilität überführt wird. Diese Mobilitätsänderung läetat sich in besonders geeigneter Weise durch die Methode der Fluoreszenzkorrelationsspektroskopie messen, wobei die Probe im geschlossenen Kompartiment verbleiben kann. Es kann erfindungsgemäeta bevorzugt sein, die Konzentration des Detektionsprimers als gering im Verhāltnis zur Konzentration des Amplifikationsprimers zu wählen. Insbesondere kann die Konzentration des Amplifikationsprimers das 5- bis 200-fache der Konzentration des Detektionsprimers betragen.

Aus der vorzugsweise mit der Fluoreszenzkorrelationsspektroskopie ermittelten Korrelationskurve lassen sich
sowohl die Anzahl der fluoreszierenden Moleküle, das relative
Verhältnis fluoreszenzmarkierter Moleküle unterschiedlicher
Größe als auch ihre Diffusionsmobilitäten schnell und zuverlässig ermitteln. Das erfindungsgemäße Verfahren in Form
einer Endpunkttitration und/oder Hybridisierung weist durch
entsprechende Wahl und Konzentration der fluoreszenzmarkierten Primer nur die Anwesenheit der gesuchten Sequenz,
welche eine zum Detektionsprimer komplementäre Sequenz
aufweist, nach.

Das Verfahren ist unempfindlich gegenüber unspezifischen Amplifikationen. Eine hohe Konzentration an Amplifikations-

primer ist wünschenswert, um eine sichere Amplifikation auch geringer Mengen an nachzuweisenden Nukleinsäuren zu gewährleisten. So kann zum Beispiel die Konzentration des Amplifikationsprimers 0,5 μM betragen, während der Detektionsprimer vorzugsweise in einer Konzentration von 1 bis 10 nM vorliegt. Aus der entsprechenden Wahl unterschiedlicher Konzentrationen für Amplifikationsprimer und Detektionsprimer ergeben sich insbesondere die folgenden Vorteile. Bei der Amplifikationsreaktion wie der PCR mueta es zu Assoziationsreaktionen zwischen Primer und Template kommen, um die Primer-Elongation zu starten. Diese Reaktionen haben normalerweise Geschwindigkeitskonstanten von $k_R = 10^4 - 10^6 \text{ M}^{-1}\text{s}^{-1}$. Im Zeitbereich von Sekunden bis Minuten kommt es gemä β der Beziehung $1/t=k_{\rm g}$ $(C_{primer} + C_{templace})$ nennenswert zu Komplexbildungen, wenn einer der Partner im Bereich von 0,1 bis 1 μM vorliegt. Dies gilt nur für bereits hohe Templatekonzentrationen bzw. für die Reaktion mit den Amplifikationsprimern. Erst wenn die Konzentration entsprechend hoch ist, kommt es zur gewünschten und spezifischen Hybridisierung mit dem Detektionsprimer, der sich dann in einer der erfindungsgemäetaen Ausführungsformen in wenigen Amplifikationsschritten in gewünschter Weise verbraucht und nahezu vollständig durch Kettenverlängerung in Amplifikate überführt wird.

Das erfindungsgemäße Verfahren eignet sich insbesondere in Kombination mit Probenträgern wie z.B. Polycarbonat-Folien, welche sich durch folgende Vorzüge auszeichnen. Sie sind

- a) chemisch inert
- b) fest verschlie β bar (keine Kontaminationseffekte, keine Verdampfung)
- c) nicht fluoreszierend
- d) von relativ geringer Dicke (10 bis 20 μm im Bereich der Probenflüssigkeit)
- e) von relativ hoher Wärmeleitung.

Bevorzugt lassen sich Folien mit 96 oder 384 Kompartimenten

verwenden. Die Folien werden mit Testflüssigkeit und Probenflüssigkeit in ca. 5 bis 20 μ l Portionen befüllt und verschlossen. Die Lösungen werden als kleine Tropfen durch Kapillarkräfte im oberen Teil der Folie fixiert, in der das Kompartiment eine für die FCS-Methode erforderliche Wandstärke von 10 bis 20 μm besitzt. Die Folien lassen sich in einen thermostatisierbaren Rahmen einpassen. Sie werden mit einer dünnen Schicht Immersionsflüssigkeit für das im FCS-Detektionsverfahren zu verwendende Objektiv benetzt. Die Kompartimente lassen sich insbesondere für Verdünnungsreihen, Screenings oder auch für unterschiedliche Testtypen einsetzen. Die typische Me β zeit für eine Folie mit 96 Kompartimenten liegt im Bereich weniger Minuten bis maximal einer halben Stunde. Durch Mitführung geeigneter Standardverdünnungen des Templates in der gleichen Folie ist die Quantifizierung der zu detektierenden Nukleinsäure in den Testkompartimenten möglich.

Die quantitative Bestimmung der zu detektierenden Nukleinsäure kann erfindungsgemäß durch Verwendung von mindestens zwei Amplifikationsansätzen der Probe erfolgen. Hierzu wird bevorzugt eine Verdünnungsreihe des ersten Amplifikationsansatzes hergestellt. Aus dem Verdünnungsverhältnis ergeben sich die relativen Konzentrationen des zweiten und ggf. weiterer Amplifikationsansätze. Bei Kenntnis der Nachweiskonzentration, d. h. der Detektionsschwelle des verwendeten Detektionssystems, oder eines sonstigen zweckmäßigen Schwellenwertes ist durch Bestimmung der Reaktionszeiten bzw. der Anzahl der Amplifikationszyklen bis zum Erreichen des Schwellenwertes in den jeweiligen Amplifikationsansätzen eine Quantifizierung der nachzuweisenden Nukleinsäure möglich. Der Schwellenwert sollte bevorzugt innerhalb der logarithmischen Amplifikationsphase erreicht werden, um eine hone Quantifizierungsgenauigkeit zu erzielen. In vorteilhafter Weise wirken sich bei der erfindungsgemäßen Quantifizierung Unterschiede in der Ampflifikationseffizienz, die z.B. in der besonderen Struktur der nachzuweisenden Nukleinsäure begründet sein können, nicht auf das Meßergebnis aus.

Das erfindungsgemäße Verfahren eignet sich bei Verwendung geeigneter Detektionsprimer auch zum Nachweis von Punktmutationen, Translokationen, Deletionen oder Haplotyp-Differenzierung. Es ist zudem im Sinne einer Multiplex-PCR einsetzbar. Bei erblichen Stoffwechselkrankheiten, wie z.B. der autosomal rezessiven zystischen Fibrose, lassen sich durch Verwendung zweier Detektionsprimer mit unterschiedlichen Farbstoffmarkern heterozygote Patienten von homozygoten Patienten unterscheiden. Es ist zudem sowohl zum Nachweis von DNA- als auch RNA-Genomen geeignet (letzteres z.B. durch Einsatz in einer RT-PCR oder 3SR-Reaktion).

Die Figur 1 betrifft eine schematische Darstellung des erfindungsgemäßen Verfahrens unter Verwendung der PCR.

Die Figur 2 beschreibt die Verschiebung der Korrelationskurve G(t) bei Anwesenheit der angegebenen initialen Template-Mengen.

Die Figur 3 betrifft die Darstellung der invertierten Korrelationsfunktion in der Form (G(t=0)-1)/(G(t)-1).

Die Figur 4a zeigt die im Ausführungsbeispiel 1 durch FCS-Analyse erhaltenen Autokorrelationsfunktionen G(t).

Die Figur 4b zeigt die Auftragung dieser Daten in linearisierter Form.

Die Figur 5 verdeutlicht die Änderung der relativen Diffusionszeiten des Detektionsprimers im Verlauf der Amplifikationsreaktion gemä β Ausführungsbeispiel 1.

Die Figuren 6a und b verdeutlichen das Detektionslimit des erfindungsgemäßen Verfahrens bei Anwendung auf das Ausführungsbeispiel 1.

Die Figur 7 zeigt den erfindungsgemäßen Einsatz eines Detektionsprimers während der NASBA im Ausführungsbeispiel 2.

Die Figur 8 zeigt die Lokalisation der verwendeten Primer innerhalb der gag Region des HIV-1 Genomes.

Die Figur 9 zeigt einen typischen Zeitverlauf der Verschiebung der Korrelationskurven aufgrund der Hybridisierung und Extension des Detektionsprimers im Ausführungsbeispiel 2.

Die Figur 10 verdeutlicht die Kinetik der Hybridisierungs/ Extensionsreaktion des Detektionsprimers im Ausführungsbeispiel 2.

Die Figur 1 beschreibt schematisch das erfindungsgemäße Verfahren unter Verwendung der PCR. Die in der PCR verwendeten Amplifikationsprimer p1 und p2 sind als Pfeile dargestellt, der Detektionsprimer p3 ist mit einem Fluoreszenzfarbstoff (Kreis) gekoppelt. Der linke Teil der Figur zeigt amplifizierte Artefakte bei Abwesenheit des Templates. Hierbei kann es sich z.B. um Primerdimere der hochkonzentrierten Primer p1 und p2 handeln. Die rechte Seite der Figur zeigt p2 in Anwesenheit des Templates. Erst wenn die Amplifikate in genügend hoher Konzentration vorliegen, wirkt das Amplifikat als Template für den niedrigkonzentrierten, fluoreszenzmarkierten Detektionsprimer. Die Mobilitätsänderung des Primers läßt sich deutlich durch eine Verschiebung der Korrelationskurve erkennen.

Mit dem erfindungsgemäßen Verfahren erzielte Ergebnisse an Mycobacterium tuberculosis sind in den Figuren 2 und 3 dargestellt. Der Nachweis dieses pathogenen Erregers dauerte bislang aufgrund der aufwendigen Zellkulturverfahren ca. 3 bis 4 Wochen. Mit Hilfe des erfindungsgemäßen Verfahrens läßt sich diese Nachweiszeit stark verkürzen.

In der Figur 2 wird die Verschiedung der Korrelationskurve G(t) bei Anwesenheit der angegebenen initialen Template-Mengen gezeigt. Die jeweils angegebene Anzahl von Template-molekülen wurde zu Beginn der Reaktion in jeweils 50 μ l Reaktionsansatz vorgelegt, durch das erfindungsgemäße Verfahren in 32 PCR-Zyklen amplifiziert und mittels der FCS-Methode analysiert. Es wurde ein für den Tuberkuloseerreger Mycobacterium tuberculosis charakteristisches Template verwendet. Die Detektionsgrenze lag hier bei 100 Template-molekülen pro Ansatz. Das Verfahren ist damit empfindlich genug, um in jeder molekulardiagnostischen Anwendung eingesetzt zu werden.

Die Figur 3 zeigt die Auftragung der invertierten Korrelationsfunktion in der Form (G(t=0)-1)/((G(t)-1)). In dieser Darstellung wurden die gleichen Daten wie in Figur 2 verwendet. Durch die invertierte Auftragung sind die Kurven im betrachteten Zeitbereich linearisiert, wodurch ihre Interpretation erleichtert wird. Eine Verschiebung von G(t) entlang der t-Achse zeigt sich in dieser Darstellung als Abflachung der Steigung, die durch lineare Regression in einfacher Weise erhalten werden kann. Die Detektionsgrenze läßt sich deutlich als 100 Templatemoleküle pro Reaktionsansatz erkennen.

Die Figur 4a zeigt die durch FCS-Analyse erhaltenen Autokorrelationsfunktionen G(t) mit zunehmender Anzahl an PCR-Zyklen der für Mycobacterium tuberculosis und M. bovis spezifischen Targetsequenz IS6110 (Ausführungsbeispiel 1). Die PCR-Amplifikation eines 106 bp-Segmentes, ausgehend von 10^5 Strängen der genomischen Mycobacterium tuberculosis DNA vor einem Hintergrund von $2.5~\mu g$ unspezifischer humaner Placenta-DNA in $50~\mu l$ Reaktionsvolumen, erfolgte unter Verwendung des Primerpaares S1/S2 als Amplifikationsprimer und 10~n M TMR-markierter Sonde PR1 als Detektionsprimer (Tabelle 1). Der Detektionsprimer bindet zwischen den Amplifikationsprimern mit derselben Orientierung wie der Amplifi-

kationsprimer S2.und überlappt mit dem 3´-Ende von S2 um fünf Nukleotide. Die Amplifikationsreaktionen wurden nach einer unterschiedlichen Zahl an Zyklen gestoppt. Die Inkorporation des Detektionsprimers in die Amplifikate ist an der Verschiebung der Autokorrelationskurve zu längeren Korrelationszeiten, welche einer Zunahme der Diffusionszeit des Detektionsprimers entspricht, deutlich erkennbar.

Die Figur 4b zeigt die Auftragung der Daten in der linearisierten Form [G(t=0)] / [G(t)]. Mit zunehmender Amplifikation ist eine Abnahme der Geradensteigung zu beobachten.

Die Figur 5 verdeutlicht die Änderung der relativen Diffusionszeiten des Detektionsprimers im Verlauf der Amplifikationsreaktion. Die Diffusionszeiten des Detektionsprimers spiegeln eindeutig die PCR-Amplifikationskinetik mit einer vor Erreichen des Detektionsgrenzwertes initialen lag-Phase, schneller exponentieller Anreicherung der Amplifikationsprodukte sowie einer Plateauphase wider. Dieses Plateau zeigt eine Sättigung an, welche dem Endpunkt einer Titration vergleichbar ist. Die abnehmende Anzahl der durchschnittlich sich im Laserfokus befindlichen Moleküle des Detektionsprimers mit zunehmender Zahl der Temperaturzyklen ist vermutlich auf Adsorptionseffekte an den Wänden der Reaktionsgefäße zurückzuführen (Nebenbild der Figur 5). Zudem ist eine scheinbare Zunahme emittierter Photonen pro Molekül und Sekunde zu peobachten (Nebenbild der Figur 5).

Die Figuren 6a und 6b verdeutlichen das Detektionslimit des erfindungsgemäßen Verfahrens bei Anwendung auf das Ausführungsbeispiel 1. Die PCR-Amplifikationsreaktionen wurden unter Verwendung unterschiedlicher Amplifikations- und Detektionsprimer durchgeführt (Tabelle 1). Vor einem Hintergrund von 2.5 μ g unspezifischer humaner Plazenta-DNA in 50 μ l Reaktionsvolumen wurde eine konstante Anzahl an PCR-Zyklen (entweder 36 oder 40 Zyklen) mit jeweils unterschiedlichen Ausgangskonzentrationen an Targetgenomen durchgeführt. Bei

Verwendung der Amplifikationsprimer S1/S2 mit 1 nM Detektionsprimer PR1 (Figur 6a) oder der Amplifikationsprimer B1B/B2B mit 5 nM Detektionsprimer PR3 (Figur 6b) liegt das Detektionslimit unterhalb von 100 Mycobacterium tuberculosis Genomen. Eine Quantifizierung von bis zu lediglich 10 Targetgenomen kann durch Vergleich mit einem Verdünnungsstandard erfolgen. Die mittels FCS bestimmten Diffusionszeiten des Detektionsprimers stimmen gut mit den Ergebnissen der dem Fachmann in bekannter Weise durchgeführten Sequenzanalyse überein (Figur 6a). Nichtbindende Sonden, wie z.B. der Primer HS3, zeigen bei Amplifikation der Targetsequenz keine Veränderung der Autokorrelationsfunktion bzw. ihrer Diffusionzeiten (Figur 6b).

Die Figur 7 zeigt den erfindungsgemäßen Einsatz eines Detektionsprimers während der Amplifikationsreaktion gemäß Ausführungsbeispiel 2. Die von van Genem et al. (PCR Methods and applications 4, 177-184, 1995) beschriebene NASBA-Methode wurde erfindungsgemäß folgendermaßen variiert:

- 1. Ein Detektionsprimer (gagl) wurde dem Reaktionsansatz zugesetzt. Dieser hybridisierte an einer spezifischen Sequenz des 145 b RNA-Stranges. Durch Reverse Transkription mittels AMV-RT entstand ein ds DNA-Molekül mit 130 bp, während das unter Verwendung der Primer 1 und 2 entstandene Amplifikationsprodukt 167 bp aufwies.
- 2. Alle Komponenten der NASBA-Reaktion einschlie β lich des Detektionsprimers und der Enzyme wurden auf Eis gemischt; der in der Literatur beschriebene Denaturierungsschritt konnte ohne Einflu β auf Reaktionsspezifität entfallen.
- 3. In Standard-NASBA-Verfahren wird die amplifizierte RNA mittels Hybridisierungstechniken wie ELGA (enzyme-linked gel assay) und ECL (Elektrochemilumineszenz) detektiert und quantifiziert. Diese Techniken erfordern die Öffnung der Probenträger mit der Gefahr von carryover-Kontaminationen.

Durch die Verwendung von FCS als Detektionsmethode ist es erfindungsgemä β in vorteilhafter Weise möglich, die Probenlösung ohne Öffnung der Probenträger zu analysieren.

Die Figur 8 zeigt die Lokalisation der verwendeten Primer innerhalb der gag Region des HIV-1-Genomes.

Die Figur 9 zeigt einen typischen Zeitverlauf der Verschiebung der Korrelationskurven (- 10 min, 20 min, .-.- 35 min, 50 min, --- 60 min nach Beginn der Amplifikation) aufgrund der Hybridisierung sowie Extension des Detektionsprimers. Die Anfangskonzentration der HIV-1 RNA-Moleküle betrug 5000 pro ml Flasma. Hinsichtlich der theoretischen Beschreibung der Autokorrelationskurven eines Zweikomponentensystems wird auf das Ausführungsbeispiel 1 verwiesen. Im vorliegenden Beispiel wurden der hybridisierte (gag1-145 b RNA) Detektionsprimer und die durch Extension entstandene 130 bp-Komponenten aufgrund ihrer annähernd gleichen Diffusionszeiten als eine Komponente behandelt. Zur Bestimmung der Kinetik der hybridisierten/extendierten Detektionsprimers wurden die Korrelationskurven unter Verwendung der dem Fachmann bekannten Gleichung zur Beschreibung der Autokorrelationsfunktion eines Zweikomponentensystems gefittet.

Die Figur 10 verdeutlicht die Kinetik der Hybridisierungs-/Extensionsreaktion des Detektionsprimers. Die Bedeutung der verwendeten Symbole ist wie folgt:

E negative Kontrolle; O falsch-positive Probe; ■ Anfangs-konzentration von 1000 HIV-1 RNA-Molekülen pro ml Plasma; ■ Anfangskonzentration von 2000 HIV-1 RNA-Molekülen pro ml Plasma; ▼ Anfangskonzentration von 5000 HIV-1 RNA-Molekülen pro ml Plasma; ▲ Anfangskonzentration von 20000 HIV-1 RNA-Molekülen pro ml Plasma. Bei geringer Anfangskonzentration ist die Kurve zu längeren Inkubationszeiten verschoben. Bei

einer mit wenigen Molekülen kontaminierten falsch-positiven Probe ist diese Verschiebung besonders auffällig, so da β eine klare Unterscheidung zwischen falsch-positiven und positiven Proben möglich ist.

Der Wert der initialen Konzentration an HIV-1 RNA Molekülen erlaubt eine Unterscheidung zwischen positiven und falschpositiven Proben. Die direkte quantitative Analyse der Anfangskonzentration an RNA-Molekülen in einer Probe kann erfindungsgemäß wie folgt ermittelt werden. Die Zeitabhängigkeit der Konzentration der Amplifikationsprodukte in einer NASBA-Reaktion ist annähernd durch folgende Exponentialfunktion beschreibbar: $P(t) = P_n \exp(kt)$, wobei k eine für den Amplifikationsmechanismus repräsentative Konstante darstellt. Der Logarithmus der in der Probe enthaltenen Moleküle stellt eine lineare Funktion der zur Erzielung eines bestimmten Primerbindungsgrades notwendigen Inkubationszeit dar (Nebenbild der Figur 10). Mittels einer Verdünnungsserie läßt sich somit die Anfangskonzentration an RNA-Molekülen ermitteln.

Im vorliegenden Ausführungsbeispiel wurde der kombinierte Ansatz aus Hybridisierung und Extension des Detektionsprimer dargestellt. Die mittels der FCS erhaltenen Daten wurden durch Sequenzierung konfirmiert. Es konnte bei mehr als 50 durchgeführten Analysen keine unspezifische Bindung des Detektionsprimers festgestellt werden, so daß sich hiermit die Möglichkeit ergibt, auf eine Extension des Detektionsprimers während der Analysen zu verzichten. Dies kann z.B. durch Verwendung eines Didesoxynucleotides am 3´-Ende des Detektionsprimers oder durch Verwendung von PNA-Primern erfolgen. Erfindungsgemäß ist auch der Anstieg der Diffusionszeiten des Detektionsprimers durch Hybridisierung an die amplifizierte RNA ausreichend für eine reproduzierbare FCS-Detektion.

Ausführungsbeispiel 1

In einer bevorzugten Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens wird als Amplifikationsmethode die Polymerase-kettenreaktion (PCR) mit einer auf der Methode der Fluoreszenzkorrelationsspektroskopie (FCS) beruhenden Detektionstechnik unter Verwendung eines mit fluoreszierenden Gruppen markierten Detektionsprimers, wie z.B. einem N,N,N',N'-tetramethyl-5-carboxyrhodamin(TMR)-markierten Detektionsprimer, kombiniert. Die Detektionsprimer werden durch die Amplifikationsreaktion in die amplifizierte Nukleinsäure eingebaut, wobei der Einbau mit einer Zunahme der Diffusionszeit des Detektionsprimers einhergeht, welche mittels FCS beobachtet werden kann.

Verwendete Materialien: Die Oligodesoxynukleotide (Tabelle 1) wurden in HPLC-reiner Qualität bei der Fa. NAPS (D-Göttingen) erworben. Die Markierung der Sonden PR1, PR3, HS1 und HS3 erfolgte mit dem 5-Isomer von TMR an ihrem 5'-Ende über einen Aminohexyllinker. Die Konzentrationen wurden unter Berücksichtigung der Absorption des TMR-Labels bei 260 nm (mit A_{260} / A_{554} = 0.49) bestimmt, und der Substitutionsgrad (DOS), entsprechend einem Markierungslabel pro Molekül, wurde mittels folgender Formel bestätigt:

DOS = [(10 x N / 86) x A_{554})] / [A_{260} - (0,49 x A_{554})] , wobei N die Anzahl der Basen in der Probe angibt.

2´-Desoxynucleosid-5´-Tripnosphate (dNTPs) wurden von der Fa. Pharmacia erworben; das 5´-3´-exonukleasefreie Stoffel-fragment der *Thermus aquaticus* DNA-Polymerase von der Fa. Perkin-Elmer. Die humane Placenta DNA wurde bei der Fa. Sigma erworben. Zudem wurde genomische DNA von *Mycobacterium tuberculosis* verwendet.

PCR in Gegenwart von Detektionsprimer: Die Amplifikationsreaktion erfolgte entweder in 50 μ l oder 25 μ l Proben mit

10 mM Tris-HCl (pH 8.3), 50 mM KCl, 2.5 mM MgCl2, 0.1 mg/ml Gelatine, jeweils 0.5 µM der beiden Amplifikationsprimer, jeweils 200 μM der vier dNTPs, 50 ng/μl humaner Placenta-DNA als Überschueta unspezifischer DNA, 1 bis 20 nM des TMRmarkierten Detektionsprimers, und 0.05 $U/\mu l$ des 5⁻³-exonukleasefreien Stoffelfragmentes der Thermus aquaticus DNA-Polymerase. Die Menge an genomischer Mycobacterium tuberculosis DNA (im Bereich von 0 bis 10^6 Moleküle je 50 μ l der Reaktionsmischung) betrug wie angegeben. Die PCR-Reaktion erfolgte in Reaktionsröhrchen (Multiple-Safecap tubes) der Fa. Sarstedt. Es wurde folgendes Temperaturprogramm in einem TRIO-Thermoblock-Cycler der Fa. Biometra (Göttingen) angewendet: Denaturierung bei 94°C für 30 s. Primerbindung bei 56°C (Primerpaar S1/S2) oder 60°C (Primerpaar B1B/B2B) für 20 s, und Elongation bei 72°C für 30 s, jeweils für die angegebene Zahl der Zyklen.

FCS-Messung und Bestimmung relativer Diffusionszeiten: Im Anschluß an die PCR wurden 10 μ l der Reaktionsmischung mittels FCS unter Verwendung eines 63x1.2 Wasser-Immersions-objektives untersucht. Eine detaillierte Beschreibung der FCS ist in dem Artikel von Eigen und Rigler (Proc. Natl. Acad. Sci. USA 91:5740-5747) zu finden. Die Autokorrelationsfunktion für eine Mischung von Partikeln mit schnellen und langsamen Translationsdiffusionszeiten ist bei Thompson (Topics in Fluorescence Spectroscopy, Vol. I, Lakowicsz, JR (ed), Plenum 1991) beschrieben.

Ausführungsbeispiel 2

In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform wird die isothermale Amplifikationsmethode NASBA (nucleic acid sequence-based amplification) mit der Detektionsmethode FCS kombiniert. Das erfindungsgemäße Verfahren wird in diesem Ausführungsbeispiel verwendet, um eine simulierte HIV-Infektion nachzuweisen.

Verwendete Materialien: Die Komponenten für die RNA-Isolierung sowie für die Amplifikationsmethode NASBA wurden bei der Fa. Organon Teknika (Eppelheim) erworben. Der mit TMR-markierte Detektionsprimer gagl wurde von der Fa. NAPS (Göttingen) synthetisiert. Die Probenträger mit 96 Reaktionskompartimenten wurden in der Feinmechanikwerkstatt des Max-Planck-Institutes für Biophysikalische Chemie angefertigt; jedes Kompartiment besitzt ein Volumen von 40 μ l und eine Wandstärke von 40 μ m. Das verwendete Plasma war Hepatitis B- und C-, CMV- und HIV-1-negativ.

Simulation einer HIV-1-Infektion: Jeweils 1 ml Plasma wurde mit unterschiedlichen Mengen (1000, 2000, 5000, 20000 Moleküle) an genomischer HIV-1 RNA (HXB2) versetzt. 9 ml Lyse-Puffer (5.25 M Guanidinthiocyanat, 50 mM Tris pH 6.4, 20 mM EDTA, 1.3 % w/v Triton X-100) wurden zugesetzt.

Isolierung von Nukleinsäuren aus dem Plasma: Die Nukleinsäuren wurden an aktivierte Kieselerde (50 μ l Suspension, 1 mg/ml), welche der Lyse-Mischung zugesetzt wurde, gebunden. Nach einem Wasch- und Trocknungsschritt wurden die Nukleinsäuren mit 50 μ l Elutionspuffer (1 mM Tris pH 8.5) eluiert und bei -70°C gelagert.

NASBA-Amplifikation der isolierten HIV-1 RNA: Typische Reaktionen wurden durchgeführt in einem 20 μ l Reaktionsvolumen, enthaltend 40 mM Tris pH 8.5, 12 mM MgCl₂, 42 mM KCl, 5 mM DTT, 15 % v/v DMSO, jeweils 1mM dNTP, jeweils 2mM NTP, 0.1 U RNase H, 0.1 μ g/ μ l BSA, 40 U T7 RNA-Polymerase, 8 U AMV Reverse Transkriptase, 0.2 μ M Primer 1,2 und 5 μ l isolierte Nukleinsäure (enthaltend 100, 200, 500, 2000 HIV-1 RNA-Moleküle). In negativen Kontrollreaktionen wurden diese 5 μ l isolierter Nukleinsäure durch 5 μ l bidestilliertes Wasser ersetzt. Die Sequenzen der Amplifikationsprimer sind innerhalb der gag Region des HIV-1-Genomes lokalisiert (Figur 8). Sie weisen die folgenden Sequenzen auf:

Primer 1: 5'- AAT TCT AAT ACG ACT CAC TAT AGG GTG CTA TGT CAC

TTC CCC TTG GTT CTC TCA -3' (antisense NT 1471-1499

von HXB2,T7 Promotor unterstrichen)

Primer 2: 5'- AGT GGG GGG ACA TCA AGC AGC CAT GCA AA - 3' (sense NT 1358-1386 von HXB2).

Zum Reaktionsansatz wurden 1 μ l TMR-markierter gagl-Detektionsprimer (Endkonzentration: 4.5 nM) zugesetzt:

gag1: 5'- TMR-GAG ACC ATC AAT GAG GAA GCT GCA GAA TGG GAT - 3'(sense NT 1395-1427 von HXB2)

Diese Amplifikationsansätze von jeweils 21 μ l wurden in verschließbare Probenträger, insbesondere Polycarbonatfolien mit 96 Vertiefungen, überführt und in die auf 42°C vortemperierte Temperierungseinheit eines dem Fachmann bekannten FCS-Gerätes eingesetzt. In einem typischen Experiment wurden 10 Amplifikationsreaktionen einschließlich negativer Kontrollen in parallelisierter Form durchgeführt. Die FCS-online-Detektion erfolgte unter Verwendung eines Wasser-Immersionsobjektives (Zeiss Plan Neofluar 40x0.9). Das durch den Laserstrahl und ein Pinhole in einer dem Fachmann bekannten Weise definierte Detektionsvolumen lag in der Größenordung von 10^{-15} l.

Table 1. Amplifikations- und Detektionsprimer für die DNA-Amplifikation von IS6110 mittels PCR.

Oligodeoxynukleotid	Sequenz (5'→3')°	Lokalis. auf <i>IS6110</i> b	T _m (°C) ^c
S1	accgcatcgaatgcatgtctcgggtAAGGCGTACTCGACC	970-984	41.7
S2	cgattccgctccagacttctcggGTGTACTGAGATCCCCT	1025-1011	39.3
B1B .	AGCGCCGCTTCGGAC	769-783	55.1
B2B	TCGATGTGTACTGAGATCCCCT	1032-1011	54.7
PR1	TMR-CCCCTATCCGTATGGTGG	1015-998	52.0
PR3	TMR-CCCCTATCCGTATGGTGGATAACGTCTTTC	1015-986	66.4
HS1	TMR-gacattgttcgtcggccgc	-	÷
HS3	TMR-tgctagagatctctaagttataacacatcaatgtcaa	-	-

^{*} Kleinbuchstaben = Zur Targetsequenz 156110 nicht komplementäre Basen.

^b Bindungsstelle auf der Targetsequenz IS6110.

^c Schmelzpunkt der jeweiligen Targetsequenz bei Konzentrationen von 1 nM DNA und 50 mM Salz.

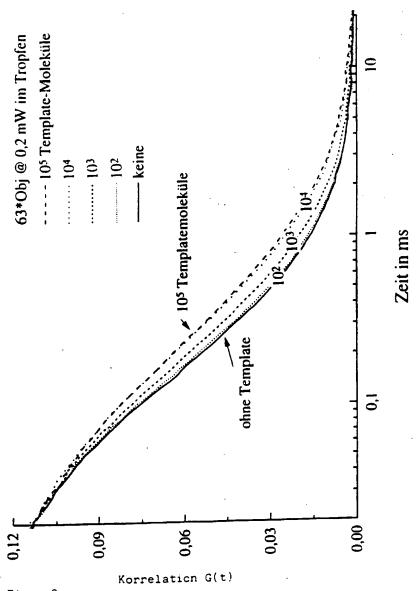
Ansprüche

- 1. Verfahren zur Bestimmung von Nukleinsäuremolekülen in niedriger Konzentration in zu untersuchenden Proben mittels Amplifikationsreaktionen unter Verwendung von unmarkierten Primern als Amplifikationsprimer und detektierbaren, insbesondere markierten Primern als Detektionsprimer sowie insbesondere von Polymerasen und/oder Ligasen, wobei die detektierbaren Primer an die Amplifikationsprodukte hybridisieren und die Abnahme der Konzentration der detektierbaren, insbesondere markierten Primer, und/oder die Zunahme der Konzentration der Amplifikationsprodukte gemessen wird und als Maβ für das Vorhandensein der zu bestimmenden Nukleinsäuremoleküle herangezogen wird.
- Verfahren nach Anspruch 1, wobei die an die Amplifikationsprodukte hybridisierten detektierbaren, insbesondere markierten Primer, durch die Amplifikationsreaktion in die amplifizierte Nukleinsäure eingebaut werden.
- 3. Verfahren nach Ansprüch 1, wobei die detektierbaren, insbesondere markierten Primer, Nukleinsäuren mit einem 3'-terminalen Didesoxynucleotid oder PNA sind.
- 4. Verfahren nach mindestens einem der Ansprüche 1 bis 3, wobei die detektierbaren, insbesondere markierten Primer, mit fluoreszierenden Gruppen markiert sind.
- Verfahren nach mindestens einem der Ansprüche 1 bis 4, wobei als Amplifikationsreaktion primerabhängige Reaktionen wie Polymerase-Ketten-Reaktion (PCR), isothermale 3 SR (self-sustained-sequence-replication), Strand-Displacement-Amplification (SDA), Reverse Transkriptase PCR (RT-PCR) und/oder Nucleic Acid Sequence-based Amplification (NASBA) eingesetzt werden.

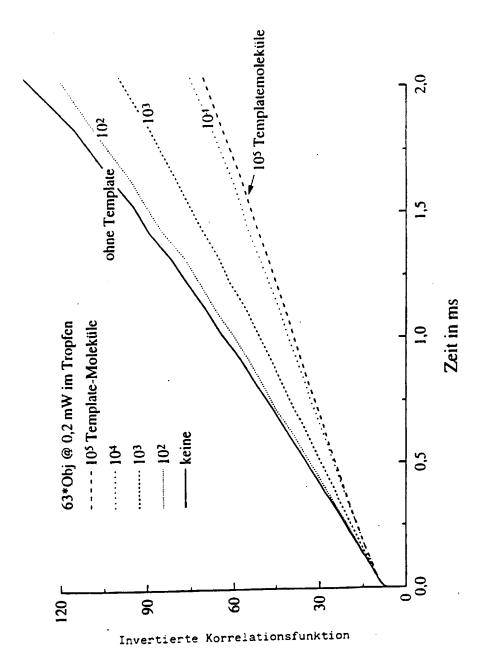
- 6. Verfahren nach mindestens einem der Ansprüche 1 bis 4, wobei als Amplifikationsreaktion die Ligase-Chain-Reaction oder gap-Ligase-Chain-Reaction eingesetzt wird.
- 7. Verfahren nach mindestens einem der Ansprüche 1 bis 6, dadurch gekennzeichnet, daβ die Abnahme der Konzentration der detektierbaren, insbesondere markierten Primer, und/oder die Zunahme der Konzentration der Amplifikationsprodukte mittels Fluoreszenzspektroskopie, insbesondere Fluoreszenzkorrelationsspektroskopie (FCS), gemessen wird.
- 8. Verfahren nach mindestens einem der Ansprüche 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, da β die Polymerase keine 5 $^{-3}$ -Exonukleaseaktivität aufweist.
- 9. Verfahren nach mindestens einem der Ansprüche 1 bis 8, dadurch gekennzeichnet, da β die Konzentration des Detektionsprimers gering im Verhältnis zur Konzentration des Amplifikationsprimers ist.
- 10. Verfahren nach Anspruch 9, dadurch gekennzeichnet, da β die Konzentration des Amplifikationsprimers das 5- bis 200-fache der Konzentration des Detektionsprimers beträgt.
- 11. Verfahren nach mindestens einem der Ansprüche 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, da β das Verfahren mittels Probenträgern, insbesondere Polycarbonat-Folien, durchgeführt wird.
- 12. Verfahren nach mindestens einem der Ansprüche 1 bis 11, dadurch gekennzeichnet, da β die Konzentration der nachzuweisenden Nukleinsäuremoleküle bestimmt wird.

13. Verfahren nach Anspruch 12, wobei die Quantifizierung der nachzuweisenden Nukleinsäuremoleküle über eine Verdünnungsreihe bestehend aus mindestens zwei Amplifikationsansätzen erfolgt, indem die Reaktionszeit und/oder die Anzahl der Amplifikationszyklen bis zum Erreichen eines zweckmäßigen Schwellenwertes, welcher insbesondere innerhalb der logarithmischen Amplifikationsphase erreicht wird, ermittelt wird.

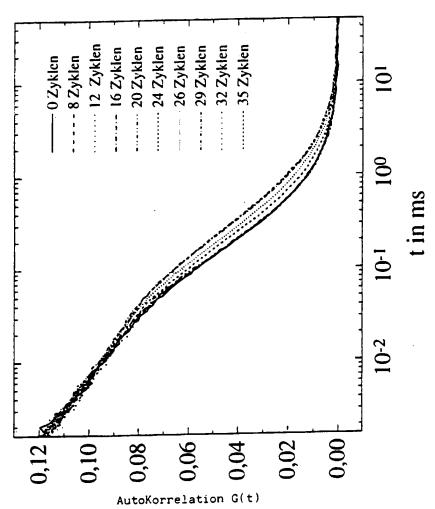
Figur 1



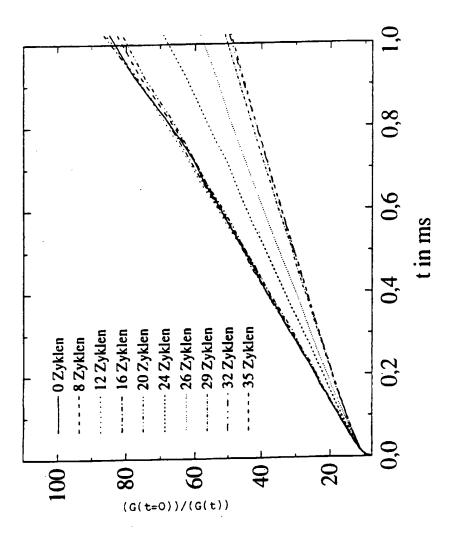
Figur 2



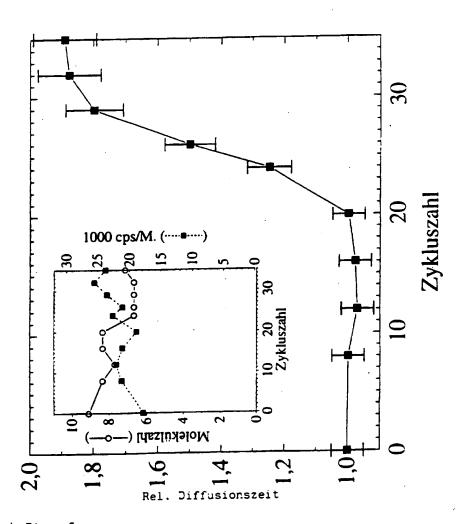
Figur 3



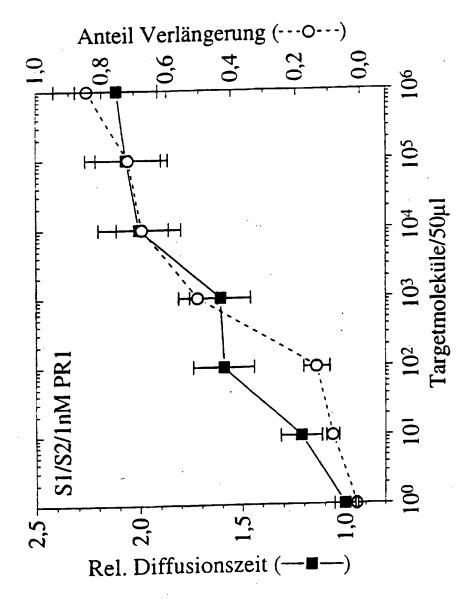
Figur 4a



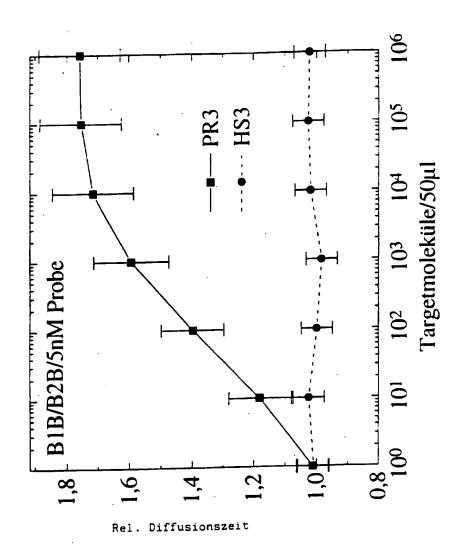
Figur 4b



Figur 5

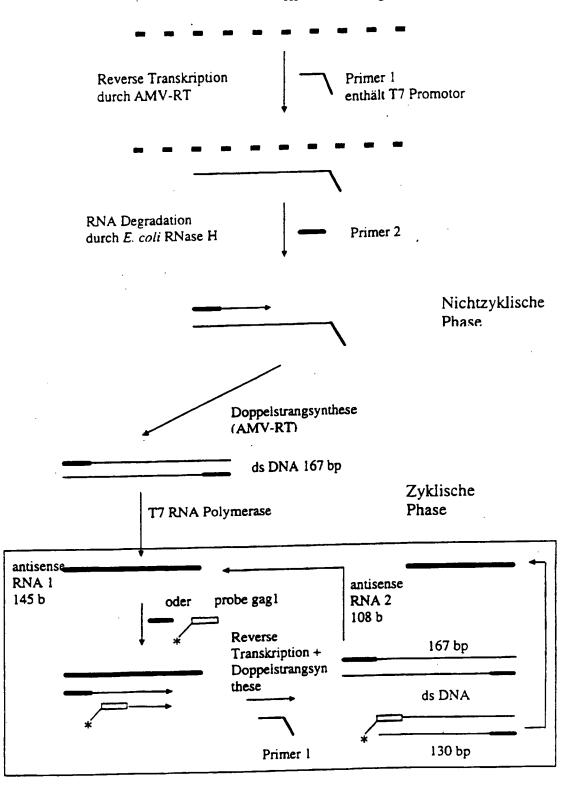


Figur 6a



Figur 6b

HIV-1 RNA Target (= 9.2 kb)

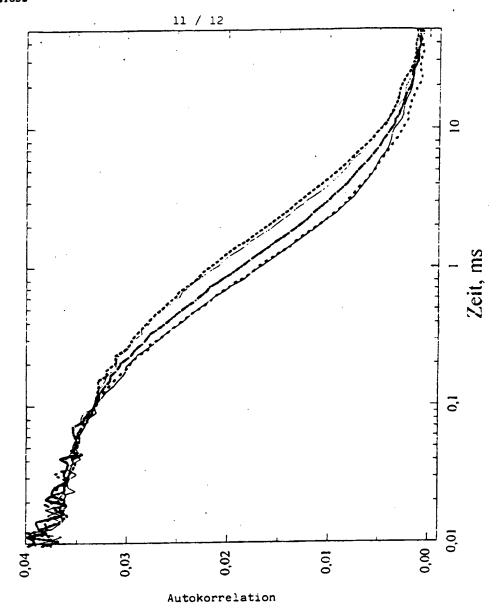


Figur 7

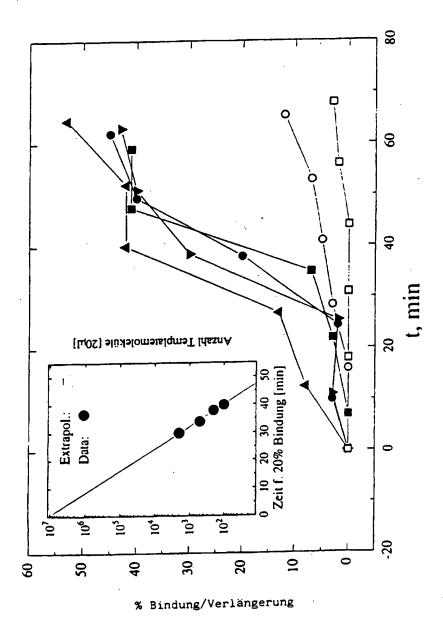
10 / 12

1261	TAGTAGAAGA	GAAGGCTTTC	AGCCCAGAAG	TGATACCCAT	GTTTTCAGCA	TTATCAGAAG
					Primer 2	
1321	GAGCCACCCC	ACAAGATTTA	AACACCATGC	TAAACACAGT	GGGGGGACAT	CAAGCAGCCA
					pro	be gag l
1381	TGCAAATGTT	AAAAGAGACC	ATCAATGAGG	AAGCTGCAGA	ATGGGATAGA	GTGCATCCAG
1441	TGCATGCAGG	GCCTATTGCA	CCAGGCCAGA	TGAGAGAACC	AAGGGGAAGT	GACATAGCA G
					Primer	\
1501	CNACTACTAC	ተአርርርፕፕር ል G	GAACAAATAG	GATGGATGAC	AAATAATCCA	CCTATCCCAG





Figur 9



Figur 10

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Internal Application No PCT/EP 96/05472

A CT APPL	FICATION OF SUBJECT MATTER		
ÎPC 6	C12Q1/68	••	~
	•		
	International Patent Classification (IPC) or to both national class	fication and IPC	
B. FIELDS	SEARCHED permentation searched (classification system followed by classification system followed by classifi	eon symbols)	
	C12Q		
Desumenter	ion searched other than minimum documentation to the extent that	such documents are included in the fields so	earched
Document			
Electronic d	ata base consulted during the international search (name of data ha	se and, where practical, tearch terms used)	
Electrona.			
C DOCUM	IENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the	relevant passages	Relevant to claim No.
Calegory		·	
	NUCLEIC ACIDS RESEARCH,		1
A	vol. 23, no. 10, 25 May 1995,		
}	Dages 1795-99, XP002029411		
İ	KINJO M ET AL: "Ultrasensitive		
	hybridization using fluorescence		
	correlation spectroscopy" see the whole document		
1	see the whole document	·	
	PROC. NATL. ACAD. SCI. USA,		1
A	vol. 91. June 1994.		·
	names 5740-47, XP002029412	lesules	
1	EIGEN M ET AL: "Sorting single	molecules:	
	Application to diagnostics and evolutionary biotechnology"		
	see line 1, paragraph 7 - line 4	•	
		-/	
1			
1	·	•	
Ĺ			
X Fur	ther documents are listed in the continuation of box C.	X Patent family members are listed	in annex.
* Special ca	stegories of cated documents :	T" later document published after the into or priority date and not in conflict w	
.V. docriti	nent defining the general state of the art which is not	ated to understand the principle or t	heory underlying the
const	dered to be of particular relevance document but published on or after the international	"X" document of paracular relevance; the	damed invention
filing	date	involve an inventive step when the di	ocument is taken alone
I which	nent which may throw doubts on priority claim(s) or is cited to establish the publication date of another	"Y" document of particular relevance; the	claimed invention
l cute	ne or other special reason (as specified) ment referring to an oral disclosure, use, exhibition or	document is combined with one or in ments, such combination being obvious	
other	means nent published prior to the international filing date but	in the art. 'A' document member of the same paten	
later	than the priority date claimed	Date of mailing of the international s	
Date of the	e actual completion of the international search	•	
	21 April 1997	14.05.97	
	mailing address of the ISA	Authorized officer	
, ame and	European Patent Office, P.B. 5818 Patentiaan 2		
	NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 140-2040, Tx. 31 651 epo ni.	Osborne, H	
1	Fax: (+ 31-70) 340-3016		

. 1

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Interional Application No PCT/EP 96/05472

		PC1/EP 96/054/2		
C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT				
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.		
P,X	EP 0 731 173 A (MAX PLANCK GESELLSCHAFT) 11 September 1996 see claims 1-13	1-13		
P,X	PROC. NATL. ACAD. SCI. USA, vol. 93, November 1996, pages 12805-810, XP002029413 WALTER N ET AL: "Fluorescence correlation analysis of probe diffusion simplifies pathogen detection by PCR" see the whole document	1-13		
Ρ,Χ	EP 0 714 986 A (TOSOH CORP) 5 June 1996 see the whole document	1,4		
X	EP 0 639 647 A (TANABE SEIYAKU CO ;EIKEN CHEMICAL (JP)) 22 February 1995 see the whole document	1,2,4		
X	EP 0 678 581 A (BECTON DICKINSON CO) 25 October 1995 see the whole document	1,2,4		
x .	WO 93 10267 A (IGEN INC) 27 May 1993 see the whole document	1		
A	WO 94 02634 A (UNIV SOUTH AUSTRALIA ;ADELAIDE CHILDREN S HOSPITAL (AU); HARRIS RA) 3 February 1994	1,3		

1

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

Int onal Application No PCT/EP 96/05472

Patent document cited in search report	Publication - date	Patent family member(s)	Publication date
EP 0731173 A	11-09-96	DE 19508366 A JP 8242858 A	12-09-96 24-09-96
EP 0714986 A	05-06-96	JP 8211050 A	20-08-96
EP 0639647 A	22-02-95	JP 7023800 A	27-01-95
EP 0678581 A	25-10-95	US 5547861 A US 5593867 A AU 1502395 A BR 9501583 A CA 2145576 A CA 2145719 A EP 0678582 A JP 7289299 A JP 8038199 A AU 1501995 A	20-08-96 14-01-97 26-10-95 14-11-95 19-10-95 19-10-95 25-10-95 07-11-95 13-02-96 18-04-96
WO 9310267 A	27-05-93	AU 658962 B AU 3141293 A CA 2100159 A EP 0567635 A JP 6507316 T ZA 9208839 A	04-05-95 15-06-93 16-05-93 03-11-93 25-08-94 13-05-93
WO 9402634 A	03-02-94	AU 4551193 A CA 2140877 A EP 0656068 A	14-02-94 03-02-94 07-06-95

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Intrinales Aktenzeichen
PCT/EP 96/05472

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES IPK 6 C12Q1/68 Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK B. RECHERCHIERTE GEBIETE Recherchierter Mindestpruissoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole) C120 Recherchierte aber nicht zum Mindertprustoff gehorende Verossendichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen Wahrend der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evil. verwendete Suchbegnife) C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN Bezeichnung der Veroffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile Betr. Anspruch Nr. Kategorie* 1 NUCLEIC ACIDS RESEARCH, A Bd. 23, Nr. 10, 25.Mai 1995. Seiten 1795-99, XP002029411 KINJO M ET AL: "Ultrasensitive hybridization using fluorescence correlation spectroscopy" siehe das ganze Dokument PROC. NATL. ACAD. SCI. USA. A Bd. 91, Juni 1994, Seiten 5740-47, XP002029412 EIGEN M ET AL: "Sorting single molecules: Application to diagnostics and evolutionary biotechnology" siehe Zeile 1, Absatz 7 - Zeile 4 Siche Anhang Patentfamilie Weitere Veroffentlichungen und der Fortsetzung von Feld C zu X X T Spätere Veroffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritatsdatum veroffentlicht worden in und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verstandnis des der Besondere Kategorien von angegebenen Veroffentlichungen "A" Veröffendichung, die den allgemeinen Stand der Technik definsert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist Erfindung zugrundeltegenden Prinzips oder der ihr zugrundeltegenden Theone angegeben ist 'E' älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veroffentlicht worden ist Verröffendichung von besonderer Bedeutung, die beanspruchte Erfindt Verröffendichung von besonderer Bedeutung nicht als neu oder auf erfindenscher Taugkut beruhend betrachtet werden *L* Veroffentlichung, die georgnet ist, einen Prioritatsanspruch zweifelhaft erschunen zu lassen, oder durch die das Veroffentlichungsdamm einer anderen im Recherchenbenicht genannten Veroffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie Veroffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit berühend betrachtet kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit berühend betrachtet werden, wenn die Veroffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheltegend ist *O' Veröffentlichung, die sich auf eine mundliche Offenbarung,
une Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht
nie Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht
P' Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach
dem beanspruchten Prioritatsdatum veröffentlicht worden ist Absendedatum des internationalen Recherchenberichts Danum des Abschlusses der internationalen Recherche 14.05.97 21.April 1997 Bevollmachtigter Bediensteter Name und Postanschnift der Internationale Recherchenbehorde Europaisches Patentami, P.B. 5818 Patendaan 2 NL - 2280 HV Riswisk Tel. (+ 31-70) 340-2040, Tz. 31 651 epo nl, Fax (+ 31-70) 340-3016 Osborne, H

1

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Intr unales Aktenzeichen
PCT/EP 96/05472

		PC1/EP 90/03472	
C.(Fortsetzu	ng) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategone*	Hezeichnung der Veroffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kom	nmenden Faile Bett. Anspruch Nr.	
P,X .	EP 0 731 173 A (MAX PLANCK GESELLSCHAFT) 11.September 1996 siehe Ansprüche 1-13	1-13	
P,X	PROC. NATL. ACAD. SCI. USA, Bd. 93, November 1996, Seiten 12805-810, XP002029413 WALTER N ET AL: "Fluorescence correlation analysis of probe diffusion simplifies pathogen detection by PCR" siehe das ganze Dokument	1-13	
P,X	EP 0 714 986 A (TOSOH CORP) 5.Juni 1996 siehe das ganze Dokument	1,4	
X	EP 0 639 647 A (TANABE SEIYAKU CO ;EIKEN CHEMICAL (JP)) 22.Februar 1995 siehe das ganze Dokument	1,2,4	
X	EP 0 678 581 A (BECTON DICKINSON CO) 25.Oktober 1995 siehe das ganze Dokument	1,2,4	
X	WO 93 10267 A (IGEN INC) 27.Mai 1993 siehe das ganze Dokument	1	
A	WO 94 02634 A (UNIV SOUTH AUSTRALIA ;ADELAIDE CHILDREN S HOSPITAL (AU); HARRIS RA) 3.Februar 1994	1,3	
	·		

1

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veroffentlichungen, die zur seiben Patentfamilie gehoren

Inte onales Aktenzeichen
PCT/EP 96/05472

Im Recherchenbericht ngeführtes Patentdokument	Datum der Veroffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veroffendschung
EP 0731173 A	11-09-96	DE 19508366 A JP 8242858 A	12-09-96 24-09-96
EP 0714986 A	05-06-96	JP 8211050 A	20-08-96
EP 0639647 A	22-02-95	JP 7023800 A	27-01-95
EP 0678581 A	25-10-95	US 5547861 A US 5593867 A AU 1502395 A BR 9501583 A CA 2145576 A CA 2145719 A EP 0678582 A JP 7289299 A JP 8038199 A AU 1501995 A	20-08-96 14-01-97 26-10-95 14-11-95 19-10-95 19-10-95 25-10-95 07-11-95 13-02-96 18-04-96
WO 9310267 A	27-05-93	AU 658962 B AU 3141293 A CA 2100159 A EP 0567635 A JP 6507316 T ZA 9208839 A	04-05-95 15-06-93 16-05-93 03-11-93 25-08-94 13-05-93
WO 9402634 A	03-02-94	AU 4551193 A CA 2140877 A EP 0656068 A	14-02-94 03-02-94 07-06-95